

特集「細菌叢解析の光と影」によせて

中 川 一 路

(京都大学 大学院医学研究科 微生物感染症学分野)

もし、手元にインターネットにつながっている PC があるなら、NCBI や DDBJ といった遺伝子データベースにアクセスすると、ありとあらゆる生物種の遺伝情報が入手できる。更に Linux のような OS の少しの知識があれば、オープンソースのソフトウェアを入手して PC 上で解析ができる。今は、そのような時代になっている。一度の解析で数 Gb にも及ぶ塩基配列が一度に入手可能な次世代型シーケンサーの登場によって、今では、個々の微生物ではなく、その環境に存在するほぼすべての微生物の情報を一度に取得できるようになってきている。今この瞬間にも世界中の研究者が、莫大な量の情報をデータベースに登録している状況である。

今回は、「細菌叢解析の光と影」というタイトルで企画を立てさせていただいた。「細菌叢解析の光」というのは、言うまでもなく、これまで実体のわからなかった細菌叢全体の設計図が入手できることになったことであろう。それぞれの環境に適応した微生物の“群れ”を一度に解析することによって、生体の常在菌であれ、環境中の細菌叢であれ、その構成している菌の種類については、ほぼ出揃ってきている。例えば、一般書にも腸内細菌の特集が組まれているのをみれば、単に「お腹の具合が悪い」と思っていて、ヨーグルトを食べるとなんとなく良くなった、というごく日常的に当たり前と思っていた現象を、分子のレベルで話ができるようになってきたのである。それだけではなく、がんや生活習慣病(肥満など)にも細菌叢の変化が影響していることも明らかとされてきている。環境中の微生物であれば、「肥料を土にいれると野菜が沢山とれるようになった」といった経験的に知っている事象を、「土の中の細菌叢がこんな風に変化した」と、細菌叢の変化で説明できることから、そのインパクトの大きさがわかる。

では“影”の部分はどうか？ これは、今回の著者の先生方も書いておられるが、細菌叢の解析＝遺伝子の解析であるため、まだその大きな設計図を手に入れただけにすぎない。今後はその事象を、遺伝子だけでなく微生物や宿主の複雑な代謝経路や時間軸による変動、という更に複雑な要因を明らかにする必要がある。また、全体の設計図が入手できるからこそ、今一度、原点に戻ってもっと詳細な機能解析が必要になってくるであろう。現在の手法で得られる情報は莫大であり、特に機能未知遺伝子の機能を明らかとするには、膨大な時間と労力が必要となる。

今回の特集では、このような観点から、これまでわかってきた細菌叢解析を四つのテーマにわけて、それぞれの分野で活躍している先生方をお願いして、最先端の内容についての知見をいただいた。現在の進捗状況と、この先にどのような展開になるのかを知る一助になれば、と思っている。